SEQUENCE LISTING

SEQ ID NO:1 Scarlet Runner Bean G654 promoter

```
-4242  GCATGCACTG CCACAAGTAG TGAACTCATG GTTTTACCTC CTCAAGTAGA
-4192  AAACCTTTTG AGTGAATTTG AAGATTTATT CTCCCAAGAA GGACCCATTG
-4142  GGCTTCCTCC TCTTAGGGGG ATAGAACATC AAATTGACTT TATACCGGGG
-4092  GCAAGCCTAC CAAATAGGCC TCCTTATAGA ACCAACCCCG AGGAAACAAA
-4042  GGAGATAGAA TCACAAGTTC AAGACTTGTT GGAGAAGGGT TGGGTTCAAA
-3992  AGAGCCTAAG CCCTTGTGCT GTACCTGTCT TGTTGGTGCC AAAAAAAGAT
-3942  GGAAATGGC GTATGTGTTG TGATTGTAGA GCAATCAACA ACATCACCAT
-3892  CAAGTATAGG CATCCAATCC CAAGGCTTGA CGATATGCTT GATGAATTGC
-3842  ATGGGTCAAC TCTATTCTCC AAAATTGACC TTAAAAGTGG ATATCACCAA
-3792  ATTCGAATCA AGGAGGGTGA TGAGTGGAAA ACCGCTTTTA AGACCAAATT
-3742  TGGATTATAT GAGTGGTTGG TGATGCCCTT TGGTCTTACT AACGCTCCAA
-3692  GTACATTCAT GAGGCTTATG AATCACACCT TGAGGGATTG TATAGGTAAA
-3642  TATGTAGTAG TTTATTTTGA TGATATCTTA GTATATAGTA AAACCCTAGA
-3592  AGACCATCTA AGTCACCTTA GGGAAGTTCT TCTAGTTCTT AGGAAAAATA
-3542  GTCTTTTTGC CAATAGGGAT AAGTGTACCT TTTGTGTAGA TAGCGTAGTC
-3492  TTTTTAGGCT TTATAGTAAA CCAAAAGGGG GTGCATGTAG ATCCCGAGAA
-3442  AATCAAAGCC ATCCGCGAGT GGCCAACTCC ACAAAATGTA AGTGATGTGA
-3392  GAAGTTTTCA TGGGTTAGCT AGCTTCTATA GAAGGTTTGT TCCCAATTTT
-3342  TCTAGCCTAG CTTCTCCCTT GAATGAACTT GTAAAAAAAG ATGTTGCATT
-3292  TTGTTGGAAT GAAAAGCATG AGCAAGCCTT TCAAAGGCTA AAAGCTCACT
-3242  CACCAATGCA CCCATCCTAT CTCTTCCAAA TTTTTCCAAA CTTTTGGAGA
-3192  TAGAGTGTGA TGCATCGGGA GTAGGCATAG TGCGGTTTTG TTGCAAGGTG
-3142  GACACCCCTT GCTTATTTTA GTGAAAAACT CCATGGTGCC ACCCTCACTA
-3092  CCCCACCTAT GACAAAGACT CTATGCTCTT GTGCGACCCT AAAGACTTGG
-3042  GGAACACTAC CTTGnGTCCC AAAGAATTTG GnTATCCATA GTGATCACGA
-2992  GTCTTTAAAA TATTTAAAGG GCCAACACAA GCTCAATAAG AGACATGCTA
-2942  AATGGATGGA ATTTCTTGAA CAATTTCCTT ATGTCATCAA ATACAAGAAA
-2892  GGGAGCACCA ATATAGTGGC CGATGCTCTT TCTAGACGGC ACACTCTCTT
-2842  TTCAAAACTA GGTGCCCAAA TTCTTGGATT TGACCACATA AGAGAGCTTT
-2792  ATCAAGAAGA TCAAGAACTC TCATCCATCT ATGCCCAATG TCTACATAGA
-2742  GCACAAGGAG GTTACTATGT GTCCGAGGGA TATCTTTTTA AAGAAGGAAA
-2692  ACTTTGCATT CCCCAAGGAA CACATAGAAA ACTCCTTGTC AAAGAATCAC
-2642  ATGAAGGGGG ACTCATGGGC CATTTTGGAG TTGATAAAAC TCTAGACTTT
-2592  TAAAAGCAAA ATTTTGTTGG CCACACATGA GGAAAGATGT CCACGACATT
-2542  GTCTAGAGTA TCTCATGTTT AAAAGCAAAG TCTAGAACAA TGCCGCTGGA
-2492  CTCTCACCCC CTTTGCCGAT TGCAAAGCTC CTTGTGAAGA CATTAGCATG
-2442  GATTTCATTT TAGGACTTCC TAGGACTGCA AGAGGCCATG ACTCTATCTT
-2392  TGTGGTAGTG GACCGTTTTA GCAAAATGTC TCACTTTATT CCATGCCACA
-2342  AAGTAGATGA TGCTCAAAAT ATTTCTAAAC TCTTCTTTAG AGAAGTGGTG
-2292  AGACTCCATG GTCTCCCTAG AAGTATAGTG TCCGATAGAG ATCACCTTAA
-2242  ATATATAATT ATACACTTGT TTTTTTTCTC TTTTTTATTT TATCAAGTAA
-2192  AAAGTATTTG TTCTAGATTA TTATGAGTAT ATACTTACTT TCTGTATTTC
-2142  ATTTCTTTCT ATTTTTTATG ACGATGAAAT TTCTTATTAT ATCCAGACTT
-2092  TTCATATATA TTTTTATTTC TTTTCCATCT AGATGCTCTG TACTTTTCTT
-2042  CAGTTGAAAT TTCCACTCTC CAACAAAACA TCATTCAAGT TTTGTATAAC
-1992  ACTGTGACGT TAACCAGTTA AAATAAGAAA ATCATGTAAT ATAAATTATT
-1942  TCAGTAGATA TTTTAGAATT ACAAATACGA TAAATAATTA AATTTAAAAA
-1892  ATTATTAAAC AATGAATTTT TTTGGAAATT AATATAAAAC TTAGACTTGT
-1842  GGTTTCTTCA TTCAGTCAAA ACCTTTTTCT ATTGTGTGGC GTGTGCGTGA
-1792  ACATCGAATT TGGGTGCTTT ATGCCGCTTT ATCTTCATCT GCACCTTCAA
-1742  ATTAATAATT TAATTCCGGA AAATAATAAA CCCACACACT GTTTTATGCA
-1692  TATATTAAGA TAAATAAAAG AGAACTATTT TAAAGAATAT AAAATAATAA
-1642  ATGTAACAAA TGATGTCACT AAAGAAGAAA AAAATTAACA AGAATTGTAA
-1592  TATATTTCTT TATGAAATGT TTTGTGCATT ACCGAGAGAG GTCGAACATG
-1542  ATACACGCAA GCATCTAACT AGTTTGGTAA TTCCTTTTCA ACATCGnTAA
-1492  GCACATCACA CTAAAATTAC TTTAAATAGA TAAATTAGAT TCAATTGGAT
-1442  GACATTAATT TATAATACTC TATCCAAAAT TATAACTATA AATAAAAAGT
```

70

```
    -1392  TATTTTTAGA AAATAAGTAA TGAAAATTTA ATTCTAAAAT TTATAACACT
    -1342  TTTATGCTGT GTTTGTTTCG AAGCATAGAA AAATAAAAAG TTATTGTTGG
    -1292  GAATGAAAAG TGAAGAAAAT CATGTAATAA AAACAAAATG ACACGACAAT
    -1242  CAAAAAAAAA GTTTTCATGC AAAACTTTTT TCAAAATTTA CACTTTTATG
 5  -1192  ATGTGTTTGT TTCGAAGTGT AGAAAAACGA AAAGTTATTA TTGGTAATGA
    -1142  AAAGCGAAGA AAATCACGTA ATAAAAACAA AGCAAGATGG CACGACAATC
    -1092  AAAAAAAAGT TTCTACACAA AACTTTATTC AAAATTTACA ACACTTTTAT
    -1042  GTTGTTGTTT GTTTCCGAGG TATAGAAAAA CAAAGAATTA GTGTTGGTAA
     -992  TGAAAAGTGA AGAAAACCAT GTAATGAAAA CAAAATGGCA CGACAATCAA
10   -942  AAAAAGTTTT CACGCAAAAT TTTCTTCAAA ATTTATAACA TTTTCATGTT
     -892  GTGTTTGTTT CAAAGCCTAG AAAAACGAAG AGTTACTATT GGTAATGAAA
     -842  AGCGAAGAAA ACCACATAAT AAAAACAAAA TGGCACGACA ATCAAGAAAA
     -792  AGTTTTCACA CAAAACTTTT TTCAAAATTT ACTATGTTTA TTTCGAAATT
     -742  TAGAAAAACG AAGAGTTATT ATTAGTAATG AAAAGCGAAG AAAACTACGT
15   -692  AATAAAAAAC AAAATGGCAC GACAATAAAA AAAGTTTTCA CGCAAAATTT
     -642  TCTTGGTGCG CAGAAAGTTA TATATATTAA TTAATTAATT TTCATTTACT
     -592  TTTTTCCCTT TTTATTTTAA AGTTAAATTA TTATTATTTT CATTTAAAAT
     -542  ATAAATATTA TTTAAATATA AAAAATATAA CCTTAATCAA AACAAAGCCT
     -492  TAATCTAAAA TTTACAACAC TTTTAACCTT AAAATTAACT TTAAAAGGAA
20   -442  AATGATAGTG TGACAACTAA AAAAGTTGTA TACAACCCTG TCATAGGTTT
     -392  AGAAATAAAT ATATATAATA AAGAGTAAAT TTGTAATTAA ATGATATAAA
     -342  AAAGTATTAA AATAATAATA TTTAGAGTAG TAATATGGTT GTATAAAAAA
     -292  ATGTGGTTGT CCATATATCA TTATTCACTT TAAAATATCA TGACAAATAT
     -242  TTTCACCGAA AGATGGAAAG AACGAAAAGA GCGTTGGATA ATGGAAAAAT
25   -192  ACAAGCAATC TCCCTCCAGT ACTTTGCATA ACATTTTGTA TTAGTGATGA
     -142  GTTTTTTATC ATATATATTT AGAATATAGG AAAATTTTAG AATCACGTGG
      -92  ATAGCTATAT AATAGTAATA TTTTAATTTA TAATGTAGTT GATTTTATTT
      -42  GTCAACTGGT ATACATAAAT ATGTGTTGAT AGTGGGTGAC TTGTGGCTTA
        9  AAGAAATGTC CAGAGGCTGA CAACAACTCT GCACAGACTA GCGTAAAC
```

SEQ ID NO:2 Scarlet Runner Bean G654 genomic region

```
    -4242  GCATGCACTG CCACAAGTAG TGAACTCATG GTTTTACCTC CTCAAGTAGA
    -4192  AAACCTTTTG AGTGAATTTG AAGATTTATT CTCCCAAGAA GGACCCATTG
    -4142  GGCTTCCTCC TCTTAGGGGG ATAGAACATC AAATTGACTT TATACCGGGG
    -4092  GCAAGCCTAC CAAATAGGCC TCCTTATAGA ACCAACCCCG AGGAAACAAA
    -4042  GGAGATAGAA TCACAAGTTC AAGACTTGTT GGAGAAGGGT TGGGTTCAAA
    -3992  AGAGCCTAAG CCCTTGTGCT GTACCTGTCT TGTTGGTGCC AAAAAAAGAT
    -3942  GGAAAATGGC GTATGTGTTG TGATTGTAGA GCAATCAACA ACATCACCAT
    -3892  CAAGTATAGG CATCCAATCC CAAGGCTTGA CGATATGCTT GATGAATTGC
40  -3842  ATGGGTCAAC TCTATTCTCC AAAATTGACC TTAAAAGTGG ATATCACCAA
    -3792  ATTCGAATCA AGGAGGGTGA TGAGTGGAAA ACCGCTTTTA AGACCAAATT
    -3742  TGGATTATAT GAGTGGTTGG TGATGCCCTT TGGTCTTACT AACGCTCCAA
    -3692  GTACATTCAT GAGGCTTATG AATCACACCT TGAGGGATTG TATAGGTAAA
    -3642  TATGTAGTAG TTTATTTTGA TGATATCTTA GTATATAGTA AAACCCTAGA
45  -3592  AGACCATCTA AGTCACCTTA GGGAAGTTCT TCTAGTTCTT AGGAAAAATA
    -3542  GTCTTTTTGC CAATAGGGAT AAGTGTACCT TTTGTGTAGA TAGCGTAGTC
    -3492  TTTTTAGGCT TTATAGTAAA CCAAAAGGGG GTGCATGTAG ATCCCGAGAA
    -3442  AATCAAAGCC ATCCGCGAGT GGCCAACTCC ACAAAATGTA AGTGATGTGA
    -3392  GAAGTTTTCA TGGGTTAGCT AGCTTCTATA GAAGGTTTGT TCCCAATTTT
50  -3342  TCTAGCCTAG CTTCTCCCTT GAATGAACTT GTAAAAAAAG ATGTTGCATT
    -3292  TTGTTGGAAT GAAAAGCATG AGCAAGCCTT TCAAAGGCTA AAAGCTCACT
    -3242  CACCAATGCA CCCATCCTAT CTCTTCCAAA TTTTTCCAAA CTTTTGGAGA
    -3192  TAGAGTGTGA TGCATCGGGA GTAGGCATAG TGCGGTTTTG TTGCAAGGTG
    -3142  GACACCCCTT GCTTATTTTA GTGAAAAACT CCATGGTGCC ACCCTCACTA
55  -3092  CCCCACCTAT GACAAAGACT CTATGCTCTT GTGCGACCCT AAAGACTTGG
    -3042  GGAACACTAC CTTGnGTCCC AAAGAATTTG GnTATCCATA GTGATCACGA
    -2992  GTCTTTAAAA TATTTAAAGG GCCAACACAA GCTCAATAAG AGACATGCTA
    -2942  AATGGATGGA ATTTCTTGAA CAATTTCCTT ATGTCATCAA ATACAAGAAA
    -2892  GGGAGCACCA ATATAGTGGC CGATGCTCTT TCTAGACGGC ACACTCTCTT
```

```
       -2842   TTCAAAACTA GGTGCCCAAA TTCTTGGATT TGACCACATA AGAGAGCTTT
       -2792   ATCAAGAAGA TCAAGAACTC TCATCCATCT ATGCCCAATG TCTACATAGA
       -2742   GCACAAGGAG GTTACTATGT GTCCGAGGGA TATCTTTTTA AAGAAGGAAA
       -2692   ACTTTGCATT CCCCAAGGAA CACATAGAAA ACTCCTTGTC AAAGAATCAC
  5    -2642   ATGAAGGGGG ACTCATGGGC CATTTTGGAG TTGATAAAAC TCTAGACTTT
       -2592   TAAAAGCAAA ATTTTGTTGG CCACACATGA GGAAAGATGT CCACGACATT
       -2542   GTCTAGAGTA TCTCATGTTT AAAAGCAAAG TCTAGAACAA TGCCGCTGGA
       -2492   CTCTACACCC CTTTGCCGAT TGCAAAGCTC CTTGTGAAGA CATTAGCATG
       -2442   GATTTCATTT TAGGACTTCC TAGGACTGCA AGAGGCCATG ACTCTATCTT
  10   -2392   TGTGGTAGTG GACCGTTTTA GCAAATGTC  TCACTTTATT CCATGCCACA
       -2342   AAGTAGATGA TGCTCAAAAT ATTTCTAAAC TCTTCTTTAG AGAAGTGGTG
       -2292   AGACTCCATG GTCTCCCTAG AAGTATAGTG TCCGATAGAG ATCACCTTAA
       -2242   ATATATAATT ATACACTTGT TTTTTTTCTC TTTTTTATTT TATCAAGTAA
       -2192   AAAGTATTTG TTCTAGATTA TTATGAGTAT ATACTTACTT TCTGTATTTC
  15   -2142   ATTTCTTTCT ATTTTTTATG ACGATGAAAT TTCTTATTAT ATCCAGACTT
       -2092   TTCATATATA TTTTTATTTC TTTTCCATCT AGATGCTCTG TACTTTTCTT
       -2042   CAGTTGAAAT TTCCACTCTC CAACAAAACA TCATTCAAGT TTTGTATAAC
       -1992   ACTGTGACGT TAACCAGTTA AAATAAGAAA ATCATGTAAT ATAAATTATT .
       -1942   TCAGTAGATA TTTTAGAATT ACAAATACGA TAAATAATTA AATTTAAAAA
  20   -1892   ATTATTAAAC AATGAATTTT TTTGGAAATT AATATAAAAC TTAGACTTGT
       -1842   GGTTTCTTCA TTCAGTCAAA ACCTTTTTCT ATTGTGTGGC GTGTGCGTGA
       -1792   ACATCGAATT TGGGTGCTTT ATGCCGCTTT ATCTTCATCT GCACCTTCAA
       -1742   ATTAATAATT TAATTCCGGA AAATAATAAA CCCACACACT GTTTTATGCA
       -1692   TATATTAAGA TAAATAAAAG AGAACTATTT TAAAGAATAT AAAATAATAA
  25   -1642   ATGTAACAAA TGATGTCACT AAAGAAGAAA AAAATTAACA AGAATTGTAA
       -1592   TATATTTCTT TATGAAATGT TTTGTGCATT ACCGAGAGAG GTCGAACATG
       -1542   ATACACGCAA GCATCTAACT AGTTTGGTAA TTCCTTTTCA ACATCGnTAA
       -1492   GCACATCACA CTAAAATTAC TTTAAATAGA TAAATTAGAT TCAATTGGAT
       -1442   GACATTAATT TATAATACTC TATCCAAAAT TATAACTATA AATAAAAAGT
  30   -1392   TATTTTTAGA AAATAAGTAA TGAAAATTTA ATTCTAAAAT TTATAACACT
       -1342   TTTATGCTGT GTTTGTTTCG AAGCATAGAA AAATAAAAAG TTATTGTTGG
       -1292   GAATGAAAAG TGAAGAAAAT CATGTAATAA AAACAAAATG ACACGACAAT
       -1242   CAAAAAAAAA GTTTTCATGC AAAACTTTTT TCAAAATTTA CACTTTTATG
       -1192   ATGTGTTGT  TTCGAAGTGT AGAAAAACGA AAAGTTATTA TTGGTAATGA
  35   -1142   AAAGCGAAGA AAATCACGTA ATAAAAACAA AGCAAGATGG CACGACAATC
       -1092   AAAAAAAAGT TTCTACACAA AACTTTATTC AAAATTTACA ACACTTTTAT
       -1042   GTTGTTGTTT GTTTCCGAGG TATAGAAAAA CAAAGAATTA GTGTTGGTAA
        -992   TGAAAGTGA  AGAAAACCAT GTAATGAAAA CAAAATGGCA CGACAATCAA
        -942   AAAAGTTTT  CACGCAAAAT TTTCTTCAAA ATTTATAACA TTTTCATGTT
  40    -892   GTGTTTGTTT CAAAGCCTAG AAAAACGAAG AGTTACTATT GGTAATGAAA
        -842   AGCGAAGAAA ACCACATAAT AAAAACAAAA TGGCACGACA ATCAAGAAAA
        -792   AGTTTTCACA CAAAACTTTT TTCAAAATTT ACTATGTTTA TTTCGAAATT
        -742   TAGAAAAACG AAGAGTTATT ATTAGTAATG AAAAGCGAAG AAAACTACGT
        -692   AATAAAAAAC AAAATGGCAC GACAATAAAA AAAGTTTTCA CGCAAAATTT
  45    -642   TCTTGGTGCG CAGAAAGTTA TATATATTAA TTAATTAATT TTCATTTACT
        -592   TTTTTCCCTT TTTATTTTAA AGTTAAATTA TTATTATTTT CATTTAAAAT
        -542   ATAAATATTA TTTAAATATA AAAAATATAA CCTTAATCAA AACAAAGCCT
        -492   TAATCTAAAA TTTACAACAC TTTTAACCTT AAAATTAACT TTAAAAGGAA
        -442   AATGATAGTG TGACAACTAA AAAAGTTGTA TACAACCCTG TCATAGGTTT
  50    -392   AGAAATAAAT ATATATAATA AAGAGTAAAT TTGTAATTAA ATGATATAAA
        -342   AAAGTATTAA AATAATAATA TTTAGAGTAG TAATATGGTT GTATAAAAAA
        -292   ATGTGGTTGT CCATATATCA TTATTCACTT TAAAATATCA TGACAAATAT
        -242   TTTCACCGAA AGATGGAAAG AACGAAAGA  GCGTTGGATA ATGGAAAAAT
        -192   ACAAGCAATC TCCCTCCAGT ACTTTGCATA ACATTTTGTA TTAGTGATGA
  55    -142   GTTTTTTATC ATATATATTT AGAATATAGG AAAATTTTAG AATCACGTGG ─ ─ ─
         -92   ATAGCTATAT AATAGTAATA TTTTAATTTA TAATGTAGTT GATTTTATTT
         -42   GTCAACTGGT ATACATAAAT ATGTGTTGAT AGTGGGTGAC TTGTGGCTTA
           9   AAGAAATGTC CAGAGGCTGA CAACAACTCT GCACAGACTA GCGTAAAC

          57   ATG AAG TCC AAT TTT GCT ATT TTC GTA GTC TTT TCT CTT CTT CTT
  60       1    M   K   S   N   F   A   I   F   V   V   F   S   L   L   L
         102   CTG GTACCTCTTCAATCTTCTCTACAAAAACTCTGTTGCTCTTTCACCTCTGTTTGTA
```

72

```
        16   L
       160   ATTTTGTTTACACTTTTGGAAAATTGAAGCTGATATATATGTAACAACCTTTCAGTTTT
       219   GTCTGCACTGAAACTGATAGAAAAATATACGTTTTGTGGATATATATAG GTT GGC
        17                                                     V   G
   5   274   AGT TGC AGC TGC GCA AGA AAA GAC ATG AGA GGG TAT TGG AAG GAT
        19    S   C   S   C   A   R   K   D   M   R   G   Y   W   K   D
       319   ATG ATG AAG GAG CAA CCT ATG CCA GAA GCA ATC AAA GAC CTT ATT
        34    M   M   K   E   Q   P   M   P   E   A   I   K   D   L   I
             GAG GAT TCA GAA GAA GTG TCA GAA GCA GGG AAG GGT CGT TTT GTT
  10    49    E   D   S   E   E   V   S   E   A   G   K   G   R   F   V
             AGG GAC TTC GAT GTA AAG CCT AAT GTC ATA TTA TAT CAC ACA CAT
        64    R   D   F   D   V   K   P   N   V   I   L   Y   H   T   H
             GTT GTG CCC ATG AAG CAG AGG CAG AAG AAT AAA GAT TGA
        79    V   V   P   M   K   Q   R   Q   K   N   K   D   •
  15
       493   AGACTATGTGATTGGCAGTTTCAGACTTATTTGGCACCAAATTTATGATGCTCTTGTTGCTG
       555   TTTCAAAATTTGTACTCAAACTTTGAACCCTTTGCAGCATCTTGCTTCTTTTTGGTCTTGCT
       617   GAATTTTGTCACAGTTATACTGTCACGAATAGTTTCTCTTCATAATAAGCAACTTTTCCTCT
       679   C
  20


                   SEQ ID NO:3 Scarlet Runner Bean G654 amino acid sequence

        57   ATG AAG TCC AAT TTT GCT ATT TTC GTA GTC TTT TCT CTT CTT CTT
         1    M   K   S   N   F   A   I   F   V   V   F   S   L   L   L
       102   CTG GTACCTCTTCAATCTTCTCTACAAAAACTCTGTTGCTCTTTCACCTCTGTTTGTA
        16    L
       160   ATTTTGTTTACACTTTTGGAAAATTGAAGCTGATATATATGTAACAACCTTTCAGTTTT
       219   GTCTGCACTGAAACTGATAGAAAAATATACGTTTTGTGGATATATATAG GTT GGC
        17                                                     V   G
  30   274   AGT TGC AGC TGC GCA AGA AAA GAC ATG AGA GGG TAT TGG AAG GAT
        19    S   C   S   C   A   R   K   D   M   R   G   Y   W   K   D
       319   ATG ATG AAG GAG CAA CCT ATG CCA GAA GCA ATC AAA GAC CTT ATT
        34    M   M   K   E   Q   P   M   P   E   A   I   K   D   L   I
             GAG GAT TCA GAA GAA GTG TCA GAA GCA GGG AAG GGT CGT TTT GTT
  35    49    E   D   S   E   E   V   S   E   A   G   K   G   R   F   V
             AGG GAC TTC GAT GTA AAG CCT AAT GTC ATA TTA TAT CAC ACA CAT
        64    R   D   F   D   V   K   P   N   V   I   L   Y   H   T   H
             GTT GTG CCC ATG AAG CAG AGG CAG AAG AAT AAA GAT TGA
        79    V   V   P   M   K   Q   R   Q   K   N   K   D   •
  40

                   SEQ ID NO:4 Arabidopsis G654 genomic region


     101001   CAAAACAAAAGCAAATGCCGGTTTTCTTATTATTATTTCGAACTTTAGAC
     100151   CTTTTTGTAACGTTTCTTTAATTTTTTTCCTTGATAAAGAACCCTATTAT
  45 100201   ATCTTAGCTAAATATTTACCTCATTTGTTTATGAGCTAAACCACCCCAA
     100251   AAATATTGTAGTTTTGCTTTCGGATTTAACTGCCAAGCAAGTGATTAGAT
     100301   ATATTAAAGGAAATGAATGAAAGGACAAAAAAATATAAACGACAATATT
     100351   TGAATACTGATATTTATCTCCATTCTCAAATATTTTTGATTTATTGTGAC
     100401   AATATTTGGTTGTTTCCCATTTGCTACATCTTTGAGGACATGAAATGATA
  50 100451   ACATATATATGAACGAGTATAATACATTCTCGTTTCATTTTACAAATAAT
     100501   GTCAATTTATGCTAACATTTTTTATTTAAAAATTATCCTTATAAGATTTC
     100551   AGTGTATTATTTTACCATGGTACTGTAAAGTCGGATGCTATATATATATA
     100601   TATATATATATATATCAAAAATGACACTGAAGAATTTATTTGAACTAAAA
     100651   CTAAAAACGTAAAATAAAAAGAATTTTTCAAAAATCAAAAATTTTATATA
  55 100701   AAAATATAGATAAAATGTTAATATAGTACAACTTCTATTCAAACAGAGAG
     100751   AATAAATCTTCTATAGACAGTGAATATCCATTATAATAACGAGCAATAGT
     100801   TGTAATGTTGCAGTACAAAAAGAGAATTGTAATATTTGTGCATGATTGAG
     100851   AAATCTAAGTTGACTTTGAATTAAAAGGCTAATTCCAACAAGTACATGTA
```

73

```
          100901 GAAGTTGACTATAGCTATATATTTACTACAAATTGATCATTTCAAGAAAG
          100951 ACATTTAAATTAAGATATGCATGCATGACTTGATTGAACCCCACTCGCTT
          101001 GCTTCGTGCCATTCGACAAGATGTTACTTTTAAATGCAAGGTAAATTATG
          101051 GATATACTCTTCTGTATTTTTTGTAGTAGATATTTTTACGAAAATTGTTT
    5     101101 TTTTTCCAAAATCAAATGATATTTATTAATTTTCAATATAGAATTAATTA
          101151 AATTTTAATTAATTTTGAAGATTTATATGCTGCAGATTAGATTACCATTG
          101201 GTGAAATCATGTTTAGGTAAATAATAAATGATGTTGTAGTTTAGGAAAAA
          101251 AAAAAATTCTTTAATCTTTATGTAAGAATGTTAAACTTCAATTATAAAAA
          101301 TATGAAGCAGTATTATATAAGATGTTTAACTAATCGAATAATATTTTTTG
    10    101351 GGATGAAATTTTCTTGCATATGTTTCTAAAAAAATAATATGTGAAAAATT
          101401 AACATTCATTGTATGTTTATAAGAAATATATGTGAGTTTTGTTTAGATAA
          101451 ATAATACTTAAAATTAAGAATTTGTAAAGTTATACTGCACTTCAAATATG
          101501 TTATTTTTTCCTTTTATTTAAAATATCAGCAACATTCTAAATGATTTTAT
          101551 TTTCTTTAAAAAATTGAAAAAATGAAATTAGCAAATATGTAAAATTTAAA
    15    101601 ACGAATTTAAGAAAAAACTTTGTAAAGATATGATATGCTTTATAAAAAAA
          101651 ACTTGGTGGCGTACCTACTAAATATGATCACATTAGAGATTTGTATCCTT
          101701 TAGCATATAGTATGTAGTATAGATATCTATATTTTTATTTATTAAAGAGC
          101751 ATATTCATAATATAGGTATTATATGTTAATTACAATAAACGTTCAATTCG
          101801 TTATGTTAGTTTTTAGAAAACTTATTGCGTGTGCATATCAATGTGAGAAA
    20    101851 GCGACTCCACATGTGAGATGTTGGTCTGAGAAAGCTTTCTGCACTTGGTC
          101901 GGAACTACTTCATGGACTAGAATGCAATCCATCTATTCAAAGAAAAGCAG
          101951 TTGTCCATGCATGCCTCGGTTTTTCACATTTGGAAGCAGCGCAACAATGT
          102001 CTTACATAATATGCGATCGATCACTCTGCAACCAATATTCAAGTACATAG
          102051 ACCATGACATCAAAAACATTATCACACCGAGAAGAAAGAAACGTCAATTT
    25    102101 GGTAACTTAATGGCGTTATGCCTGCGGTGAATTCTCCTAAGAGTTCTCCC
          102151 AAATTTTATTGATTCCTTGTTTTTAACTTTTTCGCCAAAGAATCATACAT
          102201 ATAGATTTGACACCATTTCAACTTATCAAATACAAGTGAATAAATAATTT
          102251 CAAGCTTGAAAGGAATTTAATCATGATCTAAACCTAAACGACAAATTCTT
          102301 CACAAGTGAGAATCACTAATTGACTACCCCTTGGTCGCATATACATCATT
    30    102351 GTTGTAAATCTGAAAATTGGTTTGGATTTGATCTGATATGTCATTCATAT
          102401 AAAACTTGTATTATTTATTTTAGAATTTTGCCGCAAACAGATAAATCATC
          102451 ATCTATTTAGAAAATTTTCATTTGCACCACAATTAATCAGGGGAAAAGGT
          102501 GAAATCACATATCTTATCTACACTCTTTATTAATTAAACGCCATAATATA
          102551 ACAAATTTTCAAATACCACTTATGAGAAGCACTAAGATCACCTTTTTCTT
    35    102601 TATGACTTTCTTTCTAAAGCTAAGCTGGTAGTCATGACTCATGATTATCC
          102651 TTTTCCTAATGGGAATATTGTGGAAGCGGTTTCAAATCTTTAGACAAAAT
          102701 TCCATGGCCACTAAAAGTTAGCAAAGTTAAAATAAGTTTAAAAAAAATATG
          102751 AGTGTACTTGGCCATATGCCATATTGTTGAGATCATAACAAGAGAAATAA
          102801 TAGTTTATTGAAGTTTAGATCATAATCACAATACATCATTGCCTTCATCA
    40    102851 ACATTTTCCATGGATTTGAGAGGATCAACTTCAATACTAATGGTGGGGTC
          102901 TTATTCATCCATTGCTCTCTAGCCAATTAAGCAGTTAGGTTATTTGTGTA
          102951 CTCTAGTAGTTGCCAAATCAATCTTAATATTCACAATGTTGTAATTTCTA
          103001 ATTACGTATAGATAAATGACTAGATAACACGTGGCTTTGGTTTTATCAGG
          103051 AAAGTTTTCCAAATCATATATATGAATGTAGAATAGTGTTCTTCATTAAT
    45    103101 TATTAATTAGCATCTCACCATCTGAGACTGGGAGCATGTGACAAGTTGAC
          103151 ATGTGTATTAAGAGAACTTTGAGAAAACCACTTTTATGATACTCCCATCT
          103201 GAGACTGGGATGAGTACCATTTTATAAAAAATATGAGTAGTGAAAAAATAT
          103251 TCAAAAAAAATTCTAACATGTCCTTTAAAACATTTTAACCTTATAATTTT
          103301 AACAAACATCTTCCAATATGCGTTATGAAAACTTTATAAAACTTTTTTAT
    50    103351 AACATGCTTTTGAAAATTTTATAAATCTGTATTTTTAGAAACAAAGTGAT
          103401 ACTTTTGAAAATAGACAAATGAAGTGCTATTTTTTAAAATTGATATCATA
          103451 AGTCTTAACTGTGGTTTGTTTGAATTTTATTTATATACTTGTCAAAATAA
          103501 AACTAAATAAATAAATTAAATTATTTTATAATCATGAAGATAATATTATC
          103551 ATAAAAGATAAATATAAAATCAACAAATTTATATTTGTTAATAAAAATAC
    55    103601 TTTGAGCTCTTCTTCATAAGACTTTTCCAGCTTCCATCTAGAAAATCACA
          103651 TAAATTAAAAGATAAATAACCGAATAAACATAGTTCACATTCTAACTCTT
          103701 AGTCTTAGATTTGTTTTAATTTTCAAAGGTTTAGGTATTGTATATGTTTT
          103751 TTTTATTGGGTTGCTAGATTTTGATCCAAGAAGAAATGACGGGTTGTAGT
          103801 ATAGATGGTTTGTTTGAGTTTTTTCCCCTTGGTTTACTTCGTTTGGTTTT
    60    103851 TGTCCCCAGAATTGTTCTTGTACTCGCTGGTTTATGTCTCTACAAAGTCC
          103901 ACGACCATTGCCGGCTCTTTGTATTTCAACTTGAATTCTAAATTCGATTG
```

```
       103951 ATGAAAAAAAAATGTATCTCTTAAAGTCCATTAGTACCAAAAATAACTAT
       104001 ATCATTACTACATAAAATAGTCTTGGGTTTTCCAAAGTATTTCGTTGATA
       104051 TATGTTAAGAGTTCGAAATAGACACATAGATATAATGTTGAAATGGGACC
       104101 TCTCACATAATTATCTCCTTTTCTCTTCATTTCTCTACCTCTCAAGTTTC
  5    104151 CAATCCCACCCTAAGGTAATTTATTTCTTAACCTAAGTAAATTTGTTAAC
       104201 AAATCTTAACTAGCTACAAATGTGTATTACAAGTCTTAAATAAAAACCTA
       104251 CTTTAATTCAAAGGTATTAAACCTTCCTAAATTGATACTTACTTAGTATC
       104301 GATCGGTCTAGTTTAGGGTTTGGACAACACACCATCATGGGGACGAAATT
       104351 AGTCATTCTACGGTGTCCAAGACACAAATCTCGGACTCGATGTGGATATG
  10   104401 ACACTTCATTATAACTTTTAACTTCATAAAAACTAACTATTAGGAGGAAG
       104451 AATCGGAATCTGCATATCAATCACAATAGACTATAGTATACTTAGATTTT
       104501 GATCTAATCAATGGGCTCCTTCAACTAATAAGTAGCCCACTACCAATAAT
       104551 GAAATCATAAGACATTATTAAATTAATCAATGTTCTAAAAATACTTTGGT
       104601 TATGTGTCCCGTAGAGCTAATGTGCACACACAATGAAAGTTGACCCGTTT
  15   104651 CACTTGTCCCACTTTTATGATCTTTTCTTTTAGGTTAAATCCAACTTTTA
       104701 TAATCTCATCTTGTTATCAAACAAAACTTTTGGCCTGTCTTTTTCATAAT
       104751 TTAAAGTAACTCTCACGGAGAAAAGCCAACATTTTCTTCTTGTTTTATTC
       104801 TTTTTAAGAAAAATGAATTCAAGGGGACCCCAAATTTAAAAGGAAAACCA
       104851 AAACTCCTTTCTATGTATTTATTACTTGAAGTTTTCTATGTAATCAACAA
  20   104901 TCCTAACAGTAGAGAATAAAAAACATCGTTTTGGGAGGTTTTATATTAGC
       104951 ATATGAGAATAGTTCTAAAATTGTTTTACACAAAAATTAGATTTTCTTTT
       105001 CCTCTGTCAATGGAGCTATATCACTTGTCATTTTGCTTAACCCTTTGCGG
       105051 GAAGATTGTTATGAAACAGTTTTAATGGAATTCTAGTTGCCAATGTCACG
       105101 TTTAATATGTTTTGTCCCTATACTTTATTGAATCTTATAATCTTTGTTAT
  25   105151 AGAATTATCTACTTTTAGTATTTTACATTAACATAATCTATAGAATTCTT
       105201 CTTTGTTCTATACAATTAAACAAGTAATATATTCTTAATACATATTAAAA
       105251 ATGGTGGTGTTGCTATCTGAGCTGTAATAGTTGATTGCTCCAGAGAAGAA
       105301 TAGACAAAAATCCTTACTTAAGAGGCCCACCACTCTGAAAATTTAGACAA
       105351 GAAAAATTAAACAAAATTAGGTTACACATATTATCATTTATATATATGCA
  30   105401 CAACACAAAGTTGACCTTGCAATGTACTATTGAATAAAATAAATAAATGC
       105451 AAGAAGAGAGGGAATTATCACTGTTACCAAGAAAACAACTTCCTCTAAAC
       105501 AGGTCTCTATATATATAAACTTTAACACCTAAAGAATTAACACAGATCAA
       105551 GAAAAAATCCTCAAAACAAAAGTTAAAGCAGAC ATG AAG CAA CAG CAA
            1                                    M   K   Q   Q   Q
  35   105599 CGT TAC TTG GTC GTC TTC ATC GTC CTT TTA AGC TTT CTT
            6    R   Y   L   V   V   F   I   V   L   L   S   F   L
       105638 CTG GTAAAGCTTCTTCCTTAATTATATTAAAACCCTAATTAAGATCTCATATA
           19    L
       105691 TCTGAATGTTGTATATATTTGTTGGTATAG TTT GTG AAT CTG AGT
  40       20                                    F   V   N   L   S
       105736 GAA GGA AGA ACA GGA GGA GTT GCA GAA GAA TAT TGG AAG
           25    E   G   R   T   G   G   V   A   E   E   Y   W   K
       105775 AAG ATG ATG AAG AAT GAA CCG TTG CCT GAA CCA ATC AAA
           38    K   M   M   K   N   E   P   L   P   E   P   I   K
  45   105814 GAG CTT CTC AAC AAT CCT TTT AGG ACC GCA CAA GAG AGA
           51    E   L   L   N   N   P   F   R   T   A   Q   E   R
       105853 TTC ATC CAG AAT TTC GAC ACC AAA TCT GTT GTC ATC ATC
           64    F   I   Q   N   F   D   T   K   S   V   V   I   I
       105892 TAC CAC AAT CCT AAT GAA TAA TCAATGAAGTCTCTCATATAG
  50       77    Y   H   N   P   N   E   •
       105934 ATATCTATGACTTTAATTTGTGTTTATGTATGGATCGACTTATACGTGCA
       105984 CGTATATGTTATTAATTAAGAAAAGAAAAGCTGCTTGAGTTGTTGTGTT
       106034 ATACACGTATACTAAATATGTTCTGTTTAGTGCAGAAATGTTAACCCTAG
       106094 CTATAAGGGATTTTTTGTTCTTTTTTTTTTGTTACCATTAATGTGAGTGA
  55   106144 GTGAGTTTTGTGTGATGAAAATTAGATTTGCTTCACATTTTGTTTTGATA
       106194 TATATAAATCAATATACTGTGCCTTTCGTGTCTTGTTTCTTATATTATTT
       106244 TGTGACATTAATTAATTATCTTATCAAAAATTTATTTTATTAACTGTGTC
       106294 CTATGGAAAAAGATGAACAATATGAGTTAACCTCATCTCAAGGAGATTCT
       106344 TTTTTGTTTGTTTTTC
  60
```

SEQ ID NO:5 Arabidopsis G654 amino acid sequence

```
        M     K     Q     Q     Q
        105599 CGT TAC TTG GTC GTC TTC ATC GTC CTT TTA AGC TTT CTT
        6     R     Y     L     V     V     F     I     V     L     L     S     F     L
5       105638 CTG GTAAAGCTTCTTCCTTAATTATATTAAAACCCTAATTAAGATCTCATATA
        19    L
        105691 TCTGAATGTTGTATATATTTGTTGGTATAG TTT GTG AAT CTG AGT
        20                                  F     V     N     L     S
        105736 GAA GGA AGA ACA GGA GGA GTT GCA GAA GAA TAT TGG AAG
10      25    E     G     R     T     G     G     V     A     E     E     Y     W     K
        105775 AAG ATG ATG AAG AAT GAA CCG TTG CCT GAA CCA ATC AAA
        38    K     M     M     K     N     E     P     L     P     E     P     I     K
        105814 GAG CTT CTC AAC AAT CCT TTT AGG ACC GCA CAA GAG AGA
        51    E     L     L     N     N     P     F     R     T     A     Q     E     R
15      105853 TTC ATC CAG AAT TTC GAC ACC AAA TCT GTT GTC ATC ATC
        64    F     I     Q     N     F     D     T     K     S     V     V     I     I
        105892 TAC CAC AAT CCT AAT GAA TAA TCAATGAAGTCTCTCATATAG
        77    Y     H     N     P     N     E     •
```

SEQ ID NO:6 Scarlet Runner Bean C541 genomic region

```
   1 AAGCTTTACAAATGTCCCCCAAAGATGAAACCACGTTATTATTAGTAAATCCTGAAAAGG
  61 TTAACGCTTCTGTTCCTCGAATTCTAAACCATCTGAAATATCTAGTGGTTTAAAAATGGAG
 121 ACTTGAGGATATAGTCTCCTGAACCAGCTGTCACGGCTGAGTTAGATAACATTACTGAAT
 181 TTCTACGGGAGCGGTTGAAATCACTTTCGCCCCTTTAAGAAGAAGCCTACACCGGGCACC
 241 TTCTTTACGCAATTCGAAATTTAGTCTTGCCAGGCAGTCGTTGGATCGAAGGTCTTTTTC
 301 GATACCGAGGAATCTGACTTTGCAAGGAATAATTCCTAATCACACCACCCCAACCCCTGA
 361 ATACACTTCAGGACCCTCTGAAACCAACTTCGTTTCGGCTAAATCACAAGAATCTCCCAC
 421 TCATTCCGATTTTAGCCAATTAAATATGATATCGGTCTGGGAAGCCGATAAGGAAATTCT
 481 ACAAAAAGAGTTTATGAATGAGGAAAATAAGGAAAAGAGAGAACTATTTTTTAGGTACCC
 541 TGAAAGAGAACGAGAAAAATTTAGAAAAAAATACTACTCTCATCTGTACACTGTTCAAAA
 601 GAATATCCnnnnnAATGGTTAGATAATATAAGAAAAGGATAAGTATGATTAAACTGAAAC
 661 CACGTCGGCAGAAACAAAGTGAATTCCCCCCTTTAGAGGAAGTTCGTTTCTTAAATATAG
 721 AAAACAAAGAAGTAGTCGCCTCCCCTTTTAAAATGATCTCAGAAAAACGAGAAGTAAGTA
 781 TAAAAGATATTCAAAATCTACACAGTCAACTAAATTTTACTAATCAAATGCTTTTTCAAT
 841 TAGCAAATAAAAAACAAAAGAAAAAAGmGAAAATTGAAGAAAAATCGTTAATAAAACCAT
 901 TTAAATTCTCAGAAGAAGAGATAAAACAGTTAAAAATTGGTCAAACTTTGGATTCTTTAT
 961 ACGATGAAGTAAAACAAAAGTTATCTATCTCGGTAATAAAAGAAAAACCGAAATCTAATA
1021 ATGATATGCCCAAAAGGACAAATCCAAATCAAGAAGTTTTAGACGAAATCGAAAGAGAT
1081 TAAAACAAACTCTGAACGACACAATAAATGTGATAGAAGAAACTAAAAACTCAGACTCAT
1141 GTTCAGAGTCTCCCGATCGTATTGAAAAAATAAAACGTAATAAATCAGAGATTTCCAGTA
1201 AGCCGAAATTTTTACACTCGCCCCACCTTCGATATCATCGAGATGGCGATGGACACCTCA
1261 GCATTGATGGAATGGATACTGAGTGATATGATGGATGACAGATGATGAATATAGAAAAAC
1321 TCACGAAATAACAATGGCCGCTACAGCATATAGAGTAAAACATACCGAGGAACAAACAAT
1381 AAAATTAATTATATCTGGATTCACGGGAGTATTAAAAGGCTGGTGGGATAATTACCTCAT
1441 GCCAGAACAAAGAATTATGTTCTAAGCTGTGTAAAAATAGAAAACGAAGAAGGAATACC
1501 ACTAATGGTGGAAACATTGGTGGTAGCAATAATTCATAACTTTATAGGAGATCCAAAGAT
1561 TTTTGAAGAAAGAACATCTTTATTACTTCATAATCTAAGATGTCCAACCTTAGGTGACTT
1621 TAGATGGTATTCAGAAAATTTTTTAGCTATGGTTTTAACAAGGGAAGATTGTAGAGAACC
1681 TTTCTGGAAAGAACGGTTTATAGCTGGATTACCGGATATCTTTGCTGAAAAGGTAAAAGA
1741 AAATTTACAAAAGGAATGCCCAAACACCCAATTAAAAGATGTACCATACGGGAAAATAAG
1801 TTCAGTTGTAAAAAATACAGGTCTTCAGTTATGCAATAATATGAAAATAGAAAATAAGAT
1861 AAAAAAGAGTGAGAGTCAGGGCATCAAGGAATTAGGGGAATTTTGTACTCAATACGGTTA
1921 TGAACGAAATACCCCTCCATCAAAAAAATAAAAAGAAAATAGCAAAAAGAAGAACAgGGAG
1981 AAACAAGCGCTAAAACAAGCGCTAAACCAGCACGTAAAAATTTTAGAAAAACGGTTAATT
2041 TTAGAAAACCATGAAAGTCTAATGATAAGCCCACTATAGTCTGTTATAAATGTGGACGCA
2101 TAGGACACATGAAGCGAGACTGTAGACTAAAAGAAAAAATTAGTAATTTGACCATAAGTG
2161 ATGAATTAAAAGAACAAATGGAAAAACTTCTGATAAATTCCTCCAGAAGAGGAAGAAACA
2221 GAAGAATCAATAGGAGATTCTGATTACGAAGTATTGGACATGAGGATAACAATTGTAATT
2281 GTGTCTATAAAATAAATACGATAAGTAGTGAATTAAAATTTGCGTTAGATTGCATTGATA
```

76

```
2341 AAATTAATAATCCGGAGGAAAAGACCAAAGCCTTAATAGACATGAAAAGGCTACTCGTTG
2401 AAAAAGATGAACCCAGTTCATCTTCACAAAAACCTGAATTTATAGGATATGATTTTAAAG
2461 AAATATTGAGAAAAGCGAAAACATCACATAAAGAAATAACCATTAGCGATCTTAATAGTG
2521 AAATAAATAAATTAAAAGCCGAAATCGAATCTATAAAAGTCGAGCTACAAGAATTAAAAG
2581 ATAAAATTATACATGAGGAATCCATCTCCTCTGCCGACGAAAATTCACAAGAAGAGGAAG
2641 CTAGTAGACCTTCCATCAAAGAAATAACATACAAAAGACAAAAGTGGCATGTAAAAATAG
2701 CCCTAGAATTTGTTTGTTTTGTGACCGTTTCATTGTGGTCAAAGATGAGTCCTTACCTAA
2761 CACAATAAAAAACGTTACTCTTAAATATCAAAGGAGAGCTACAAATATCAATGAATGAAT
2821 GACATTAATATTTTTCTTTAGTTTTAAAACTTGAATGAGTTGTTTTCATAAATATCTGAC
2881 TGACTGACATTTTTATTTTTTCTGAAAATGAGGAAGGTTTATTACGTTAACACCATATAT
2941 ATATTTTTATCTCAAAGTCAACGAAATATTATAAAAGAATCAATTAAAAAAAATTATTCT
3001 TTTGCAGAAAAAAAAATTAAAAATATGAAACTCCTCCACACCATATTACCATATTATAAA
3061 TATAAAAAAACCTCTCACAAATGTGCATTCTGGAATTCTTTATGTTGAGAGATTAATCTC
3121 TAAAGAAAAAAGGTTGAGAAAGGTGCAGCAACA ATG TCT CCA TTC TGT AGA
   1                                    M   S   P   F   C   R
3172 AAC TTT TCA ATG GCA TGG GTG CTT ATG GCA TTT GTG TTG TTT
   7   N   F   S   M   A   W   V   L   M   A   F   V   L   F
3214 GCA AAC AGT GCT ATG CCC ACA AAT GGA TCC ACT GTT GGG GTA
  21   A   N   S   A   M   P   T   N   G   S   T   V   G   V
3256 AAA AAC ATG TTG GGT GGT AAA TTG ATG CTA AAC GTT TTA TGT
  35   K   N   M   L   G   G   K   L   M   L   N   V   L   C
3298 CCC CAT ATT GAT AAG CAA CAC ATT ATC CCG AAT GGT GGT TCA
  49   P   H   I   D   K   Q   H   I   I   P   N   G   G   S
3340 TTT GAG TGG AAG TAC AAT GGT GGT GCT CCA CCA ATA GGA CAA
  63   F   E   W   K   Y   N   G   G   A   P   P   I   G   Q
3382 TCA CCA TTC ATG TGT TTC TTT CGG TGG AAT AAT GTT CAT CAC
  77   S   P   F   M   C   F   F   R   W   N   N   V   H   H
3424 TCC CTT GAT CTG TGT TCA CCA AGC AAG TAT ACT GGT TGT GAA
  91   S   L   D   L   C   S   P   S   K   Y   T   G   C   E
3466 AAT GCC ATT TGG GAA ATC AAA GAA AAG CAA TTT TGT AGG TAC
 105   N   A   I   W   E   I   K   E   K   Q   F   C   R   Y
3508 AGA GGT GGA CCT ATT AAT TAT TTT TGC TAT GAC TGG GAT GAT
 119   R   G   G   P   I   N   Y   F   C   Y   D   W   D   D
3550 TAG TTATATAGATTATTCATGTTTCATCTCAATAAAAAAATGACTTTAGAGTGATTCTT
      •
3609 AGTTTGCTTAACATTCTTACATATTCCTAACTATTCCGTCACTACCACCCGTAACTATAT
3669 TTATTTAAAATTAGTATCTGTCACAGTTTTATTTTTAAAAAAGGTTATGTGGATTAGAAG
3729 AGAGATAAATATGTAGACGGTCACCAACCTTAATTTTTGAACTATGTAAGACTATATTGA
3789 CCAAGAATATATGTTTAAACTCATTCATTTAAAGACTATATCTCCATTTATGATTATGCA
3849 AATGCAATTAGTTTTTTTTTTTCATTGAAGAATTCAAAAGAAAGTTATCATTAAAAAGTAT
3909 CATTAAATCACTTATATGTTGTTTCTTAATATCCTTATTGTTAATAGAATAATTTTTTTT
3969 ATCCTTTAATTAAGGTTATTACTACTTTTTTTTCATATCTTCATTATTTTGAAATATTTT
4029 TAAAATTTATCAATTTTTGTAACACCCCAGAAAATACATGTAACTATCACTTTTTTTTTA
4089 TATTACAAATTTATGACTTATAGAAATACAAATATTAAAAATATAAGGTTCAAAACTACA
4149 TCCTAAAGTCTTTCAGACCCTCTGACACATGTATCATCTGCTCGTATATGTGATACAGTC
4209 ATCGCAGTTCACAAGATAACAAGAAAACCAAGGGTAAGCTAATGAAAAAAAATTCCATAA
4269 CATATTTAATTCATGCAAAAGAACCAGTCAAAGTAATCATTTATAAACATTTCTTTAAA
4329 TATTGTTATATAAAATTTCAATATCAATTTCATCATTCATATAGACCACACATGGATCTA
4389 TTTTCAATCACAATCATTGGATTTCATTTTAATCCTACTTCGnCTTCCAGAAGACTCATT
4449 AAGTATGCCCCTACCAGAGACTAACACCTAATCAAAGAGAAATGATCAAGGTAAGTTCAA
4509 ACATCCAATAACGAGTGCCTACAGTGGGACCCAATGTGTATGAACTCCTTATCAGCTTCT
4569 CACCACCTGATATCTTATTCTATATGACGTAGATCATCAGTGAAACTAGAGGATCTCCGT
4629 TAAACATATGTTTTTTATACTTAATGTCATCAAACAACAACTCACACATTATCCCAAATG
4689 TATGACATCAATTTCATACAATTTTCATCATTCATATATAATACATATCATTGAATCACA
4749 TAACATTTAAAAAATTCATACCATTCAAGAACTTTTCCAACATCAAAAGCAATATTTACTT————————————————
4809 TCAAACTATCAAAATATAATTATTATTTAATAAAGCTt
```

SEQ ID NO:7 Scarlet Runner Bean C541 amino acid sequence

```
                                   ATG TCT CCA TTC TGT AGA
           1                        M   S   P   F   C   R
      3172 AAC TTT TCA ATG GCA TGG GTG CTT ATG GCA TTT GTG TTG TTT
        7  N   F   S   M   A   W   V   L   M   A   F   V   L   F
      3214 GCA AAC AGT GCT ATG CCC ACA AAT GGA TCC ACT GTT GGG GTA
        21 A   N   S   A   M   P   T   N   G   S   T   V   G   V
      3256 AAA AAC ATG TTG GGT GGT AAA TTG ATG CTA AAC GTT TTA TGT
        35 K   N   M   L   G   G   K   L   M   L   N   V   L   C
      3298 CCC CAT ATT GAT AAG CAA CAC ATT ATC CCG AAT GGT GGT TCA
        49 P   H   I   D   K   Q   H   I   I   P   N   G   G   S
      3340 TTT GAG TGG AAG TAC AAT GGT GGT GCT CCA CCA ATA GGA CAA
        63 F   E   W   K   Y   N   G   G   A   P   P   I   G   Q
      3382 TCA CCA TTC ATG TGT TTC TTT CGG TGG AAT AAT GTT CAT CAC
        77 S   P   F   M   C   F   F   R   W   N   N   V   H   H
      3424 TCC CTT GAT CTG TGT TCA CCA AGC AAG TAT ACT GGT TGT GAA
        91 S   L   D   L   C   S   P   S   K   Y   T   G   C   E
      3466 AAT GCC ATT TGG GAA ATC AAA GAA AAG CAA TTT TGT AGG TAC
        105 N   A   I   W   E   I   K   E   K   Q   F   C   R   Y
      3508 AGA GGT GGA CCT ATT AAT TAT TTT TGC TAT GAC TGG GAT GAT
        119 R   G   G   P   I   N   Y   F   C   Y   D   W   D   D
      3550 TAG
           •
```

SEQ ID NO:8 Arabidopsis C541 genomic region

```
142000   TTATCTTATTTCCATATAATTGTTGTTTTACTTTCAAAATTTTTAATTTT
141950   TTATATTTATCTTTTTACAGTTTAAAATTAATAAAATGAAACTTTTTTTC
141900   TTAAATGTGTTAAAATATAAAATCAAAAAAGTTGTTATATGGTACATGGC
141850   ACAATCTTATAAATTATTAATTTGAAAACGATACTTTATATAATAAAATT
141800   ATCTTAGTTGACATTTTTATTAGTGTTTTCAATCATATTTTTGTTTGCTT
141750   GATAAGCGTAAAACAAATCAAACTTAACGATACTTTATATAATAAAATTA
141700   TCTTAGTTGACATTTTTATTAGTGTCTTCAATCATATCTTTGTTTGCTTG
141650   ATAAGCGTAAAACAAATCAAGTAAAGTTGGGCACCTCAATTGTTTTAAAA
141600   AAGTTTGGGTACCTCAAAAATTAATAGGTCTTGTCAGATTCTTACAAAAA
141550   AAATCTGGAAGAATTTATGAAAGAAGGGGGGGGAGGGGGGGGAGGGGGGGG
141500   AAGTGAAGATGAATATTCAACAAAAGAGGGTAGGCATGATGTTAAGTGAG
141450   TTAAAAAACTATGTTAATGGAGACAATTTTCTGTTAACAAACCCGTTAAT
141400   TGAAAACGATAGCATTCTTCTCTAACAATGTAAAACGATATTGTTTTATC
141350   ATAACTACTCATTAAATTTCTGAGTTTCAAATCATATAAAGATTTAGGGG
141300   GGTGTATTCAATTAAGGATTTGAAATGATTTGTATTAAAATGACAAATCC
141250   CATGTTATTTCAAACATGAATTGTAAAAACTTTTTTAAAATCAAGTGTTA
141200   TTAGATTAGTGATTTTAAAATGTACAACCAAACCCACTGTTATTGGAAAC
141150   ATTTTAAGTAGTGGATTTAAAATGACTTGAGTGATTTTGGGTGGGATTGC
141100   AGAAAATTTCTTAGTTAAGAATTCAAACATCCAAATCTCATGGTTTCAAG
141050   TAGAATTTGGGAGAATTTTAATAACAAATCTCCTAATTTACCAAAAGTCA
141000   CCAAAATCATTTAAAAACTCATTAAAATTTAAATGATTTCAAATCTCCAG
140950   TTGAATACATCCCCTTGGAATTAGAGATTTTGCTCGATTTGGGACCTAAG
140900   ATTGAATTTTGGGGATTTAGTTTAATCGTTACAACAAAATGACATCGTAT
140850   TATTGTTATAGGAAACAATGTCGTTTTCAGTTGACATGTATGTTAATAGA
140800   AAATTAACTCTATTAACGGGATTTGCTAACCCATTTAACATCGTAACTAA
140750   ATGGTCAAGTCAATAAAAGTTTGGTATTTATTTGAAAAGTCAACGTAAGT
140700   TTGATATTTATTTGAAAAGTCAACATAAATTTGATATCTTATTTCGTTTC
140650   GACAGACATAAGGATTTACATCAATGTTTTTAATAAATTAAAGATTATTA
140600   TGACATTTTTTCCATTTAAAATTGCCAATGTTTTCGAAACCAAGATACTC
140550   AAAATTGACATACCTAATTCAATCTACATTTGTTTGACAGCAATTCACGT
140500   GCCTTGACCACATGGCACATACTGGCAATACATCAATTTTAAGGAAAAGG
140450   TAGATTCGGATACAATATAATGGAAATAAGTGGAAAGGATCATTGACTAC
140400   TTGACTTGTAACAAACAACACACAGTATATAACTCATTCGACATTTACAA
```

```
140350   ACAACATTGTGCTAGCTTAAACTCCCTCTCCTATTCAAAAAA ATG
     1                                                M
140305   GAT ATT CCA AAG CAA TAT CTA TCA CTA TTC ATA TTG
     2    D   I   P   K   Q   Y   L   S   L   F   I   L
140269   ATT ATC TTC ATA ACT ACA AAA TTA TCA CAA GCC GAC
    14    I   I   F   I   T   T   K   L   S   Q   A   D
140233   CAT AAA AAC GAC ATT CCA GTT CCC AAC GAT CCA TCA
    26    H   K   N   D   I   P   V   P   N   D   P   S
140197   TCA ACA AAT TCT GTG TTT CCT ACC TCG AAA AGA ACC
    38    S   T   N   S   V   F   P   T   S   K   R   T
140161   GTG GAA ATC AAT AAT GAT CTC GGT AAT CAG CTA ACG
    50    V   E   I   N   N   D   L   G   N   Q   L   T
140125   TTA CTG TAT CAT TGT AAA TCA AAA GAC GAT GAT TTA
    62    L   L   Y   H   C   K   S   K   D   D   D   L
140089   GGT AAC CGG ACT CTG CAA CCA GGT GAG TCG TGG TCT
    74    G   N   R   T   L   Q   P   G   E   S   W   S
140053   TTT AGT TTC GGG CGT CAA TTC TTT GGA AGG ACG TTG
    86    F   S   F   G   R   Q   F   F   G   R   T   L
140017   TAT TTT TGT AGT TTT AGT TGG CCA AAT GAA TCG CAT
    98    Y   F   C   S   F   S   W   P   N   E   S   H
139981   TCG TTC GAT ATA TAT AAA GAC CAT CGA GAT AGC GGC
   110    S   F   D   I   Y   K   D   H   R   D   S   G
139945   GGT GAT AAC AAG TGC GAG AGC GAC AGG TGT GTG TGG
   122    G   D   N   K   C   E   S   D   R   C   V   W
139909   AAG ATA AGA AGA AAC GGA CCT TGT AGG TTT AAC GAT
   134    K   I   R   R   N   G   P   C   R   F   N   D
139873   GAA ACG AAG CAG TTT GAT CTT TGT TAT CCT TGG AAT
   146    E   T   K   Q   F   D   L   C   Y   P   W   N
139837   AAA TCT TTG TAT TGA CAACAATATGCTGATGTTCTGTCTTTTAC
   158    K   S   L   Y   •
139793   GACTCATGGAGTTTCATTGTTTGAAACAATAATATAAAACATATAAATT
139743   TCTATTATTCCAAGTTCCAACTTATAATAATTTGATAATCATATCATATT
139693   ATCATCTTAAGCATTCAATGCTACAAAGATAATACCCCCAAGCTATTTTA
139643   CATTAAAAGCTGAAACAGAGACACAATACTAACGATAAAAGTTCGTAGTA
139593   TCTTTATGCAACCATACATACATATACACAAAGATAGACAGGTAGTGTCC
139543   TAATAATTCTACTTGGGTGAGGTATGAACAGCAGCAACAGTAGATACCAT
139493   TGTATCCATACCACACATATTATGAGGCCCTCTGCAGATTTTGTAGTAAC
139443   CATGCTCTCCCCACATCGCTCCCCACGAGTTCTTGATAATCCAA
```

SEQ ID NO:9 Arabidopsis C541 amino acid sequence

```
 1                                                M
140305   GAT ATT CCA AAG CAA TAT CTA TCA CTA TTC ATA TTG
     2    D   I   P   K   Q   Y   L   S   L   F   I   L
140269   ATT ATC TTC ATA ACT ACA AAA TTA TCA CAA GCC GAC
    14    I   I   F   I   T   T   K   L   S   Q   A   D
140233   CAT AAA AAC GAC ATT CCA GTT CCC AAC GAT CCA TCA
    26    H   K   N   D   I   P   V   P   N   D   P   S
140197   TCA ACA AAT TCT GTG TTT CCT ACC TCG AAA AGA ACC
    38    S   T   N   S   V   F   P   T   S   K   R   T
140161   GTG GAA ATC AAT AAT GAT CTC GGT AAT CAG CTA ACG
    50    V   E   I   N   N   D   L   G   N   Q   L   T
140125   TTA CTG TAT CAT TGT AAA TCA AAA GAC GAT GAT TTA
    62    L   L   Y   H   C   K   S   K   D   D   D   L
140089   GGT AAC CGG ACT CTG CAA CCA GGT GAG TCG TGG TCT
    74    G   N   R   T   L   Q   P   G   E   S   W   S
140053   TTT AGT TTC GGG CGT CAA TTC TTT GGA AGG ACG TTG
    86    F   S   F   G   R   Q   F   F   G   R   T   L
```

79

```
140017  TAT TTT TGT AGT TTT AGT TGG CCA AAT GAA TCG CAT
    98   Y   F   C   S   F   S   W   P   N   E   S   H
139981  TCG TTC GAT ATA TAT AAA GAC CAT CGA GAT AGC GGC
   110   S   F   D   I   Y   K   D   H   R   D   S   G
139945  GGT GAT AAC AAG TGC GAG AGC GAC AGG TGT GTG TGG
   122   G   D   N   K   C   E   S   D   R   C   V   W
139909  AAG ATA AGA AGA AAC GGA CCT TGT AGG TTT AAC GAT
   134   K   I   R   R   N   G   P   C   R   F   N   D
139873  GAA ACG AAG CAG TTT GAT CTT TGT TAT CCT TGG AAT
   146   E   T   K   Q   F   D   L   C   Y   P   W   N
139837  AAA TCT TTG TAT TGA CAACAATATGCTGATGTTCTGTCTTTTAC
   158   K   S   L   Y   •
```

SEQ ID NO:10 promoter control element

GAAAAGCGAA

SEQ ID NO:11 promoter control element

GAAAAGCCAA